

D. Zusammenfassung

1. Mitochondriale, bakterielle und plastidäre H^+ -transportierende ATPasen haben sehr ähnliche Strukturen. Sie sind membranengebundene Enzyme, die aus einem membrangebunden Anteil (F_0) und einem aus der Membran herausragenden Anteil (F_1) bestehen. Der F_0 -Anteil leitet Protonen durch die Membran. Der F_1 -Anteil enthält die katalytischen und regulierenden Orte, die ADP und ATP binden.

2. Die bakterielle F-Typ ATPase hat die einfachste Struktur. Mitochondriale und Chloroplasten F-ATPasen besitzen weitere Untereinheiten, die am F_1 -Anteil sowie am F_0 -Anteil vorkommen, und dazu führen, daß diese beiden Typen wesentlich komplexere Strukturen ergeben.

3. Obwohl alle F-Typ ATPasen fünf Untereinheiten haben α , β , γ , δ , ϵ , die zu der F_1 -Struktur beitragen, hat sich herausgestellt, daß nicht alle diese Untereinheiten dieselbe Funktion haben. Daher sind sie nicht unbedingt vergleichbar.

4. Trotz der ähnlichen Struktur zwischen V-ATPase und F-ATPase sind ihre Funktionen verschieden. Dies führt zu dem Schluß, daß beide Typen schon relativ früh in der Evolution divergierten.

5. Der tatsächliche Mechanismus, der einer Kopplung voraus geht und zu einer Protonentranslokation führt, ist immer noch nicht geklärt. Die größte Unterstützung erhält die Theorie, die von einer Konformationsänderung innerhalb des Proteins ausgeht.

D₁ Summary

Christiansen, E.:

Structure and function of F-ATPase

-a compilation of literature.

1. Mitochondrial, bacterial and chloroplast H⁺ translocating ATPase complexes have very similar structures. They are membran bound enzymes composed of a membran sector, F₀ and an attached extramembran portion F₁. The F₀-sector contains the transmembran proton channel. The F₁-sector contains the catalytic and the regulatory sites that bind ADP and ATP.
2. The bacterial F-type ATPase has the simplest structure. Mitochondrial and chloroplast F-ATPases have associated in both the F₁-sector, as well as in the F₀-sector extra subunits.
3. Despite the fact that all F-type ATPases have five subunits called α , β , γ , δ , ϵ , which contribute to the F₁ structure, it has become clear that not all of these subunits perform the same function. They are thus not readily comparable.
4. Despite the similarity in structure between V-ATPase and F-ATPase their function is different. This leads to the conclusion that both types must have diverged relatively early during evolution.
5. The actual mechanism of the coupling, in which site-site interactions and binding affinity changes on F₁ lead to proton movement remains unknown. Strong evidence support the theory that this coupling takes place through conformational changes within the proteins.